

Estratificação Ambiental Na Região Central Do Brasil Para Experimentação Com Genótipos De Soja

Guilherme Augusto Carrijo Teixeira¹; Vanoli Fronza²; Sybelli M. C. Gonçalves Espindola³; Plínio César de Lima⁴; Neylson Eustáquio Arantes⁵; Roberto Kazuhiko Zito⁶

Resumo

Neste trabalho objetivou-se avaliar a representatividade dos locais de ensaios por meio da estratificação ambiental em 19 pontos de teste em cinco estados da região Central do Brasil mais o Distrito Federal, sendo dois locais no estado de São Paulo, cinco em Minas Gerais, quatro em Goiás, quatro no Mato Grosso do Sul, três no Mato Grosso e um no Distrito Federal. Para verificar a representatividade dos locais foram utilizados os métodos do algoritmo de Lin (1982) e a decomposição da interação da parte simples e complexa de Cruz e Castoldi (1991). O trabalho foi realizado com os dados de produtividade de grãos de 14 genótipos de soja, sendo três cultivares e 11 linhagens promissoras do Programa de Melhoramento Genético da soja desenvolvido pela parceria Embrapa/Epamig/Fundação Triângulo, com sede em Uberaba, MG. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. Houve efeito altamente significativo para genótipo, ambiente e interação genótipo x ambiente. A estratificação ambiental pelo método de Lin (1982), permitiu a formação de quatro grupos: Grupo I - Santa Carmem, MT, Sinop, MT, e Uberaba, MG; Grupo II - Uberaba, MG, Vicentinópolis, GO e Sonora, MS; Grupo III - Iraí de Minas, MG, Sinop, MT e Vicentinópolis, GO; Grupo IV - Sindrolândia, MS e Sinop, MT. Pelo método de Cruz e Castoldi (1991), foram confirmados todos esses grupos, exceto o grupo IV, que permitiu a entrada de Querência, MT. O restante dos ambientes se enquadram na rede experimental, sendo que somente os municípios de Iraí de Minas, MG, Sonora, MS, Vicentinópolis, GO, Sindrolândia, MS, Santa Carmem, MT e Querência, MS, talvez poderão ser excluídos da rede, se for de interesse do Programa de Melhoramento. Porém, vale ressaltar que se faz necessário repetir o estudo por mais anos ou safras, para atenuar o efeito dos mesmos e chegar a resultados mais conclusivos.

Introdução

O melhoramento genético da soja foi o principal responsável pelo sucesso dessa oleaginosa no Brasil, mais especificamente na região dos cerrados, onde as lavouras vêm apresentando rendimentos crescentes desde os anos 1960, quando foram feitos os primeiros plantios. Os programas de melhoramento propiciaram a adaptação desta espécie às baixas latitudes e às condições edafoclimáticas dessa região (ARANTES et al., 2005).

Quando se dispõe de uma rede de ambientes para avaliação de cultivares, torna-se fundamental identificar se há, entre os ambientes disponíveis, padrões similares de respostas de cultivares (estratificação ambiental). Além de reduzir a interação genótipos por ambientes, esse processo possibilita avaliar o grau de representatividade dos experimentos e tomar decisões com relação à redução do número de ambientes quando existem problemas técnicos ou escassez de recursos (CRUZ; REGAZZI, 1994).

O presente trabalho teve como objetivo estudar a similaridade entre ambientes, por meio da estratificação ambiental, pelo método do algoritmo de Lin (1982), com a finalidade de verificar a representatividade dos locais utilizados para os ensaios finais de avaliação de cultivares e linhagens de soja, do Programa de Melhoramento Genético desenvolvido pela parceria Embrapa/Epamig/Fundação Triângulo, com sede em Uberaba-MG.

Materiais e Métodos

Foram avaliados 14 genótipos de soja, na safra 2008/2009, sendo 11 linhagens transgênicas RR promissoras em fase final de ensaios de VCU (Validação de Cultivo e Uso) do programa de melhoramento

¹ Graduando do Curso de Agronomia das Faculdades Associadas de Uberaba, FAZU/FUNDAGRI, Av. do Tutunas, 720, Uberaba, MG. CEP 38061-500. E-mail: gui_carrijo22@hotmail.com

² Engº Agrº, Dr., Embrapa Soja. C.P. 311, Uberaba, MG, CEP 38001-970. E-mail: vanoli@cnpso.embrapa.br

³ Professora das Faculdades Associadas de Uberaba, FAZU/FUNDAGRI, Av. do Tutunas, 720, Uberaba, MG. CEP 38061-500. E-mail: sybelliespindola@yahoo.com.br

⁴ Engº Agrº, Syngenta Seeds Ltda, Lucas do Rio Verde, MT. CEP 78455-000. E-mail: plinio.lima@syngenta.com

⁵ Engº Agrº, Dr., Fundação Triângulo de Pesquisa e Desenvolvimento, C.P. 110, Uberaba, MG. CEP 38001-970. E-mail: neylson.arantes@yahoo.com.br

⁶ Engº Agrº, Dr., Embrapa Arroz e Feijão, C.P. 179, Santo Antônio de Goiás, GO. CEP 75375-000. E-mail: zito@cnpaf.embrapa.br

genético sediado em Uberaba-MG e conduzido em parceria pela Embrapa (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária), Epamig (Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais) e Fundação Triângulo de Pesquisa e Desenvolvimento, e mais três cultivares RR (BRS Favorita RR, BRS Valiosa RR e M7908RR), utilizadas como padrão de desempenho para a comparação com as linhagens.

Os locais de condução constaram de 19 pontos de teste em cinco estados da região Central do Brasil mais o Distrito Federal, sendo dois locais no estado de São Paulo (Miguelópolis e Barretos), cinco em Minas Gerais (Uberaba, Sacramento, Capinópolis, Iraí de Minas e Unaí), quatro em Goiás (Luziânia, Perolândia, Jataí e Vicentinópolis), quatro no Mato Grosso do Sul (Chapadão do Sul, Maracaju, Sonora e Sidrolândia), três locais no estado do Mato Grosso (Santa Carmem, Sinop e Querência) e um no Distrito Federal (Planaltina).

A característica de desempenho agrônômico dos genótipos avaliada foi a produtividade de grãos (PG), obtida em gramas por parcela por meio da trilha, secagem e pesagem dos grãos da área útil de cada parcela, corrigindo-se o peso para 13% de umidade e expressando a produtividade em quilogramas por hectare ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$).

Antes de se proceder à análise de variância dos dados realizou-se uma análise exploratória no programa estatístico SAS (SAS INSTITUTE, 1997) para detectar a presença de dados discrepantes ou “outliers” e para avaliar o atendimento das pressuposições do modelo da análise de variância pelo teste F (homogeneidade de variâncias dos tratamentos, resíduos com distribuição normal e independente da média, e aditividade do modelo matemático). Essa análise exploratória foi efetuada para cada ambiente, individualmente. Quando necessário, foi eliminado o dado das parcelas identificadas como discrepante ou problemática para o atendimento das pressuposições do modelo, para depois se proceder as análises. Após a análise exploratória individual por ambiente, também se efetuou uma análise exploratória conjunta dos dados, juntando-se todos os ambientes. Concluídas as análises exploratórias efetuaram-se, então, as análises de variância individuais. Após isto, analisou-se a relação entre o maior e menor quadrado médio calculados, respeitando-se a relação de 7:1, conforme sugerido por Cruz e Regazzi (1997) e Pimentel Gomes (2000) e procedeu-se então à análise de variância conjunta.

Após a realização da análise de variância conjunta, foram calculadas as médias de cada genótipo em cada ambiente e, em seguida, procedeu-se à análise de estratificação ambiental pelo método baseado no algoritmo de Lin (1982) e também pela decomposição da interação da parte simples e complexa de Cruz e Castoldi (1991), utilizando-se o programa estatístico Genes (CRUZ, 2006).

O método tradicional de agrupamento de ambientes é baseado no algoritmo de Lin (1982), que consiste em estimar a soma de quadrados da interação entre genótipos e pares de ambientes e, posteriormente, agrupar aqueles ambientes cuja interação é não-significativa. O método prossegue com a estimação da soma de quadrados entre genótipos e grupos de ambientes, sendo empregado o teste F para avaliar a formação de um novo grupo.

A decomposição da interação de genótipos x pares de ambientes em partes simples e complexa foi realizada segundo a metodologia proposta por Cruz e Castoldi (1991), sendo que os ambientes foram agrupados de forma que seus pares formados, em cada grupo, apresentassem interação predominantemente de natureza simples (S), ou seja, onde $S \geq 60\%$ e correlações (r) acima do mínimo requerido ($r \geq 60\%$).

Resultados e Discussão

Por meio da análise conjunta (TAB.1), observou-se efeito altamente significativo para genótipos, ambientes e a interação genótipo x ambientes, permitindo a utilização de metodologias para o estudo mais detalhado dos efeitos da interação genótipos com os ambientes.

A estratificação ambiental pelo método de Lin (1982) permitiu a formação de quatro grupos: Grupo I - Santa Carmem,MT, Sinop,MT, e Uberaba,MG; Grupo II - Uberaba,MG, Vicentinópolis,GO e Sonora,MS; Grupo III - Iraí de Minas,MG, Sinop,MT e Vicentinópolis,GO; Grupo IV - Sindrolândia,MS e Sinop,MT.

Não foi possível a inclusão de nenhum dos demais locais da rede de avaliação nos grupos já formados, uma vez que, ao fazer isso, a soma dos quadrados médios da interação GxA apresentou valor significativo.

A presença de somente três ambientes em cada grupo foi confirmada utilizando-se a metodologia baseada na decomposição da parte simples e complexa segundo Cruz e Castoldi (1991), com exceção para o grupo IV, que permitiu a inclusão do um município de Querência,MS. Vale ressaltar que a inclusão do mesmo deve-se, primeiramente, ao fato do município de Querência,MS ter apresentado com Sidrolândia, MS e Sinop,MT, interação de natureza simples ($S = 70,4$ e $90,3\%$, respectivamente), e suas correlações se apresentarem acima do mínimo requerido, com valores de $r = 71,5\%$ e $r = 83,4\%$, respectivamente.

TABELA 1 – Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg.ha^{-1}) de 14 genótipos de soja em 19 ambientes da região central do Brasil, safra 2008/2009.

Produtividade de grãos (kg.ha^{-1})			
Fonte de variação	GL	QM	F
Blocos/Ambientes	57	168920,1	2,40**
Ambientes (A)	18	14232390,50	186,47**
Genótipos (G)	13	3097422,47	40,58**
Interação G x A	234	427343,80	5,59**
Resíduo	759	76322,0	-
CV(%)	9,14	-	-

** Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade.

Assim, percebe-se que, apesar de a interação entre os 14 genótipos e 19 ambientes estudados ter sido significativa, há conjuntos de ambientes nos quais os genótipos não apresentaram comportamento diferencial, cabendo aos melhoristas escolher aquele que mais se encaixe nas necessidades de seu programa de melhoramento. Critérios como proximidade dos centros de pesquisa e facilidade de acesso podem ser adotados em futuros programas de melhoramento da instituição. Essa diminuição no número de ambientes proporcionará redução nos custos de avaliação dos genótipos e no desenvolvimento de novas cultivares, além de permitir a realização de avaliações mais criteriosas nos ensaios restantes.

TABELA 2 - Agrupamento de ambientes, segundo o método de estratificação ambiental de Lin (1982), com base na produtividade de grãos dos genótipos, na safra 2008/09, na região central do Brasil.

Grupos	Ambientes	Localização	QMI/r	F calculado	F tabelado (5%)
-	17 18	Santa Carmem,MT; Sinop,MT	16711.62912	0.87585	1.73
I	17 18 1	Santa Carmem,MT; Sinop,MT; Uberaba,MG	27560.29853	1.44442	1.51
-	1 12	Uberaba,MG; Vicentinópolis,GO	17220.66	0.90253	1.73
II	1 12 15	Uberaba,MG; Vicentinópolis,GO; Sonora,MS	26191.98718	1.37271	1.51
-	4 18	Iraí de Minas,MG; Sinop,MT	26671.41758	1.397784	1.73
III	4 18 12	Iraí de Minas,MG; Sinop,MT; Vicentinópolis,GO	28262.6685	1.48,123	1.51
IV	16 18	Sidrolândia,MS; Sinop,MT	2907.443956	1.52378	1.73

Conclusões

Houve efeito altamente significativo para genótipos, ambientes e a interação genótipo x ambientes, permitindo a utilização das metodologias descritas.

A estratificação ambiental pelo método do algoritmo de Lin (1982) foi bastante coerente com a decomposição das partes simples e complexa por Cruz e Castoldi (1991), não propiciando nenhuma inclusão aos agrupamentos feito pelo método em relação aos grupos I, II e III. Porém, em relação ao grupo IV, a decomposição permitiu a entrada de mais um ambiente.

Houve a formação de quatro grupos, com somente três ambientes, mostrando que os ambientes se enquadram a rede experimental do Programa de Melhoramento Genético formada pela parceria Embrapa/Epamig/Fundação Triângulo, com exceção para os ambientes Iraí de Minas, MG, Sonora, MS, Vicentinópolis, GO, Sidrolândia, MS, Santa Carmem, MT e Querência, MS, que talvez poderão ser excluídos se for do interesse do programa.

É necessário repetir o estudo por mais anos ou safras, para atenuar o efeito dos mesmos e chegar a resultados mais conclusivos.

Referências Bibliográficas

ARANTES NE, KIIHL RAS, ALMEIDA LA, ZITO RK, YORINORI JT, DIAS WP, SOUZA PIM, NUNES JÚNIOR J, 2005 **Cultivar de soja BRS Valiosa RR**. Londrina: Embrapa Soja: p.394-395. (Reunião de Pesquisa de Soja da Região Central do Brasil. Resumos, Documentos, 257).

CRUZ CD (2006) **Programa Genes**: Biometria. Editora UFV. Viçosa (MG). 382 p.

CRUZ CD and CASTOLDI F (1991) Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v.38, p.422-430.

CRUZ, CD and REGAZZI AJ (1994) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v.1. 390 p.

CRUZ CD and REGAZZI A J (1997) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 390 p.

LIN CS (1982) Grouping genotypes by cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square. **Theor. Appl. Genet.**, New York, v. 62, p. 277-280.

PIMETEL GOMES F (2000) **Curso de estatística experimental**. 14. ed. Piracicaba. 477 p.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. **SAS/STAT software**: changes and enhancements through release 6.12. (software). Cary: SAS INSTITUTE, 1997. 1116 p. + 1cd.